

Medidas de Evaluación

Alba Sevilla Navarro

2025-06-27

Obtención de medidas de evaluación para los datasets:

- AmphibiansAndReptilesCesar Capinha de César Capinha
- USGS
- InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni

Abrimos los datasets obtenidos con la función “Medidas_Evaluación.R”

```
library(readxl)
setwd("../Evaluacion")
amphibians_dataset <- read_excel("AMPHIBIANS_CESAR_DATASET_HABITAT.xlsx")
usgs_dataset <- read_excel("USGS_DATASET_HABITAT.xlsx")
InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_dataset <- read_excel("ZENNI_DATASET_HABITAT.xlsx")
```

La columna con los valores predichos será la llamada **Binary Habitat Predcited** donde:

$$\begin{cases} Y = 0 & \text{(No Freshwater)} \\ Y = 1 & \text{(Freshwater)} \end{cases}$$

La columna con los valores reales será la llamada **Binary Habitat original** donde $Y=0$ e $Y=1$ tiene la misma asignación que en el caso de los valores predichos.

$$\begin{cases} Y = 0 & \text{(No Freshwater)} \\ Y = 1 & \text{(Freshwater)} \end{cases}$$

Para comprobar la bondad del ajuste de la función que obtiene los habitats de las especies en base a la Database GBIF, a través de su paquete ‘rgbif’, obtenemos las siguientes matrices de confusión y medidas de bondad de ajuste, mediante la función **confusionMatrix** del paquete **caret** :

Table 1: ConfusionMatrix

Original		
Predicción	No Freshwater	Freshwater
No Freshwater	A	B
Freshwater	C	D

Con las fórmulas:

$$\begin{aligned}
\text{Sensibilidad} &: \frac{A}{A + C} \\
\text{Especificidad} &: \frac{D}{B + D} \\
\text{Prevalencia} &: \frac{A + C}{A + B + C + D} \\
PPV &= \frac{\text{Sensibilidad} * \text{Prevalencia}}{(\text{Sensibilidad} * \text{Prevalencia}) + ((1 - \text{Especificidad}) * (1 - \text{Prevalencia}))} \\
NPV &= \frac{\text{Especificidad} * (1 - \text{Prevalencia})}{((1 - \text{Sensibilidad}) * \text{Prevalencia}) + (\text{Especificidad} * (1 - \text{Prevalencia}))} \\
\text{DetectionRate} &= \frac{A}{A + B + C + D} \\
\text{DetectionPrevalence} &= \frac{A + B}{A + B + C + D} \\
\text{BalancedAccuracy} &= \frac{(\text{Sensibilidad} + \text{Especificidad})}{2} \\
\text{Precision} &= \frac{A}{A + B} \\
\text{Recall} &= \frac{A}{A + C} \\
F1 &= \frac{(1 + \beta^2) * \text{Precision} * \text{Recall}}{(\beta^2 * \text{Precision}) + \text{Recall}}; \quad \text{donde } \beta = 1
\end{aligned}$$

- AmphibiansAndReptilesCesar Capinha

```

# Extraer la matriz
amphibians_dataset$`1_Cesar` <- factor(amphibians_dataset$`1_Cesar`, levels = c("FRESHWATER", "NO FRESHWATER"))
amphibians_dataset$Habitat <- factor(amphibians_dataset$Habitat, levels = c("FRESHWATER", "NO FRESHWATER"))
matriz <- caret::confusionMatrix(factor(amphibians_dataset$Habitat), factor(amphibians_dataset$`1_Cesar`))

# Obtener los valores específicos de TP, FP, TN, FN
tp <- matriz["FRESHWATER", "FRESHWATER"] # Verdaderos positivos
fp <- matriz["FRESHWATER", "NO FRESHWATER"] # Falsos positivos
tn <- matriz["NO FRESHWATER", "NO FRESHWATER"] # Verdaderos negativos
fn <- matriz["NO FRESHWATER", "FRESHWATER"] # Falsos negativos

# Imprimir los resultados
cat("Verdaderos Positivos (TP):", tp, "\n")

## Verdaderos Positivos (TP): 73

cat("Falsos Positivos (FP):", fp, "\n")

## Falsos Positivos (FP): 7

cat("Verdaderos Negativos (TN):", tn, "\n")

## Verdaderos Negativos (TN): 162

```

```
cat("Falsos Negativos (FN):", fn, "\n")
```

```
## Falsos Negativos (FN): 34
```

```
# Tasa de Verdaderos Positivos (Sensibilidad o TPR)
tpr <- tp / (tp + fn)
# Tasa de Falsos Positivos (FPR)
fpr <- fp / (fp + tn)
# Tasa de Verdaderos Negativos (Especificidad o TNR)
tnr <- tn / (tn + fp)
# Tasa de Falsos Negativos (FNR)
fnr <- fn / (fn + tp)
```

```
# Mostrar los resultados
```

```
cat("Tasa de Verdaderos Positivos (TPR o Sensibilidad):", tpr, "\n")
```

```
## Tasa de Verdaderos Positivos (TPR o Sensibilidad): 0.682243
```

```
cat("Tasa de Falsos Positivos (FPR):", fpr, "\n")
```

```
## Tasa de Falsos Positivos (FPR): 0.04142012
```

```
cat("Tasa de Verdaderos Negativos (TNR o Especificidad):", tnr, "\n")
```

```
## Tasa de Verdaderos Negativos (TNR o Especificidad): 0.9585799
```

```
cat("Tasa de Falsos Negativos (FNR):", fnr, "\n")
```

```
## Tasa de Falsos Negativos (FNR): 0.317757
```

- USGS

```
# Extraer la matriz
usgs_dataset$Native.Habitat <- factor(usgs_dataset$Native.Habitat, levels = c("FRESHWATER", "NO FRESHWATER"))
usgs_dataset$Habitat <- factor(usgs_dataset$Habitat, levels = c("FRESHWATER", "NO FRESHWATER"))
matriz <- caret::confusionMatrix(factor(usgs_dataset$Habitat), factor(usgs_dataset$Native.Habitat), pos = "FRESHWATER")

# Obtener los valores específicos de TP, FP, TN, FN
tp <- matriz["FRESHWATER", "FRESHWATER"] # Verdaderos positivos
fp <- matriz["FRESHWATER", "NO FRESHWATER"] # Falsos positivos
tn <- matriz["NO FRESHWATER", "NO FRESHWATER"] # Verdaderos negativos
fn <- matriz["NO FRESHWATER", "FRESHWATER"] # Falsos negativos
```

```
# Imprimir los resultados
```

```
cat("Verdaderos Positivos (TP):", tp, "\n")
```

```
## Verdaderos Positivos (TP): 917
```

```
cat("Falsos Positivos (FP):", fp, "\n")
```

```
## Falsos Positivos (FP): 38
```

```
cat("Verdaderos Negativos (TN):", tn, "\n")
```

```
## Verdaderos Negativos (TN): 156
```

```
cat("Falsos Negativos (FN):", fn, "\n")
```

```
## Falsos Negativos (FN): 348
```

```
# Tasa de Verdaderos Positivos (Sensibilidad o TPR)
```

```
tpr <- tp / (tp + fn)
```

```
# Tasa de Falsos Positivos (FPR)
```

```
fpr <- fp / (fp + tn)
```

```
# Tasa de Verdaderos Negativos (Especificidad o TNR)
```

```
tnr <- tn / (tn + fp)
```

```
# Tasa de Falsos Negativos (FNR)
```

```
fnr <- fn / (fn + tp)
```

```
# Mostrar los resultados
```

```
cat("Tasa de Verdaderos Positivos (TPR o Sensibilidad):", tpr, "\n")
```

```
## Tasa de Verdaderos Positivos (TPR o Sensibilidad): 0.7249012
```

```
cat("Tasa de Falsos Positivos (FPR):", fpr, "\n")
```

```
## Tasa de Falsos Positivos (FPR): 0.1958763
```

```
cat("Tasa de Verdaderos Negativos (TNR o Especificidad):", tnr, "\n")
```

```
## Tasa de Verdaderos Negativos (TNR o Especificidad): 0.8041237
```

```
cat("Tasa de Falsos Negativos (FNR):", fnr, "\n")
```

```
## Tasa de Falsos Negativos (FNR): 0.2750988
```

- InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni

```
# Extraer la matriz
```

```
InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_dataset$Habitat_Original <- factor(InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_dataset$Habitat_Original)
```

```
InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_dataset$Habitat <- factor(InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_dataset$Habitat_Original)
```

```
matriz <- caret::confusionMatrix(factor(InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_dataset$Habitat), InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_dataset$Habitat_Original)
```

```
# Obtener los valores específicos de TP, FP, TN, FN
```

```
tp <- matriz["FRESHWATER", "FRESHWATER"] # Verdaderos positivos
```

```
fp <- matriz["FRESHWATER", "NO FRESHWATER"] # Falsos positivos
tn <- matriz["NO FRESHWATER", "NO FRESHWATER"] # Verdaderos negativos
fn <- matriz["NO FRESHWATER", "FRESHWATER"] # Falsos negativos
```

```
# Imprimir los resultados
cat("Verdaderos Positivos (TP):", tp, "\n")
```

```
## Verdaderos Positivos (TP): 130
```

```
cat("Falsos Positivos (FP):", fp, "\n")
```

```
## Falsos Positivos (FP): 36
```

```
cat("Verdaderos Negativos (TN):", tn, "\n")
```

```
## Verdaderos Negativos (TN): 270
```

```
cat("Falsos Negativos (FN):", fn, "\n")
```

```
## Falsos Negativos (FN): 8
```

```
# Tasa de Verdaderos Positivos (Sensibilidad o TPR)
tpr <- tp / (tp + fn)
# Tasa de Falsos Positivos (FPR)
fpr <- fp / (fp + tn)
# Tasa de Verdaderos Negativos (Especificidad o TNR)
tnr <- tn / (tn + fp)
# Tasa de Falsos Negativos (FNR)
fnr <- fn / (fn + tp)

# Mostrar los resultados
cat("Tasa de Verdaderos Positivos (TPR o Sensibilidad):", tpr, "\n")
```

```
## Tasa de Verdaderos Positivos (TPR o Sensibilidad): 0.942029
```

```
cat("Tasa de Falsos Positivos (FPR):", fpr, "\n")
```

```
## Tasa de Falsos Positivos (FPR): 0.1176471
```

```
cat("Tasa de Verdaderos Negativos (TNR o Especificidad):", tnr, "\n")
```

```
## Tasa de Verdaderos Negativos (TNR o Especificidad): 0.8823529
```

```
cat("Tasa de Falsos Negativos (FNR):", fnr, "\n")
```

```
## Tasa de Falsos Negativos (FNR): 0.05797101
```

En resumen:

```

calcular_metricas <- function(pred, real) {
  cm <- caret::confusionMatrix(factor(pred), factor(real), positive = "FRESHWATER")
  data.frame(
    Accuracy = cm$overall["Accuracy"],
    Sensitivity = cm$byClass["Sensitivity"],
    Specificity = cm$byClass["Specificity"],
    Pos_Pred_Value = cm$byClass["Pos Pred Value"],
    Neg_Pred_Value = cm$byClass["Neg Pred Value"]
  )
}

# Calcular métricas para cada base
amphibians_metrics <- calcular_metricas(amphibians_dataset$`1_Cesar`, amphibians_dataset$Habitat)
usgs_metrics <- calcular_metricas(usgs_dataset$Habitat, usgs_dataset$Native.Habitat)
InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_metrics <- calcular_metricas(InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_dataset$Habitat, InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_dataset$Native.Habitat)

library(tidyjson)

```

```
## Warning: package 'tidyjson' was built under R version 4.4.3
```

```
##
```

```
## Adjuntando el paquete: 'tidyjson'
```

```
## The following object is masked from 'package:jsonlite':
```

```
##
```

```
## read_json
```

```
## The following object is masked from 'package:stats':
```

```
##
```

```
## filter
```

```
# Juntar en una sola tabla
```

```

tabla_final <- bind_rows(
  AmphibiansAndReptiles_CesarCapinha = amphibians_metrics,
  USGS = usgs_metrics,
  InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni = InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_metrics,
  .id = "Database"
)
tabla_final <- as.data.frame(tabla_final)
tabla_final

```

```

##                                     Database Accuracy Sensitivity Specificity
## Accuracy...1      AmphibiansAndReptiles_CesarCapinha 0.8514493   0.9125000   0.8265306
## Accuracy...2                                     USGS 0.7354352   0.7249012   0.8041237
## Accuracy...3 InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni 0.9009009   0.9420290   0.8823529
##                                     Pos_Pred_Value Neg_Pred_Value
## Accuracy...1      0.6822430      0.9585799
## Accuracy...2      0.9602094      0.3095238
## Accuracy...3      0.7831325      0.9712230

```

MATRICES DE CONFUSION:

```
# Instalar paquetes si no están instalados
if(!require(caret)) install.packages("caret")
if(!require(ggplot2)) install.packages("ggplot2")
if(!require(reshape2)) install.packages("reshape2")
```

```
## Cargando paquete requerido: reshape2
```

```
## Warning: package 'reshape2' was built under R version 4.4.3
```

```
##
```

```
## Adjuntando el paquete: 'reshape2'
```

```
## The following objects are masked from 'package:data.table':
```

```
##
```

```
##      dcast, melt
```

```
## The following object is masked from 'package:tidyr':
```

```
##
```

```
##      smiths
```

```
# Cargar las librerías
```

```
library(caret)
```

```
library(ggplot2)
```

```
library(reshape2)
```

```
# AmphibiansAndReptilesCesar Capinha
```

```
amphibians_dataset$1_Cesar` <- factor(amphibians_dataset$1_Cesar`, levels = c("FRESHWATER", "NO FRESHWATER"))
```

```
amphibians_dataset$Habitat <- factor(amphibians_dataset$Habitat, levels = c("FRESHWATER", "NO FRESHWATER"))
```

```
matriz_amphibios <- caret::confusionMatrix(factor(amphibians_dataset$Habitat), factor(amphibians_dataset$1_Cesar`))
```

```
# USGS
```

```
usgs_dataset$Native.Habitat <- factor(usgs_dataset$Native.Habitat, levels = c("FRESHWATER", "NO FRESHWATER"))
```

```
usgs_dataset$Habitat <- factor(usgs_dataset$Habitat, levels = c("FRESHWATER", "NO FRESHWATER"))
```

```
matriz_usgs <- caret::confusionMatrix(factor(usgs_dataset$Habitat), factor(usgs_dataset$Native.Habitat))
```

```
# InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni
```

```
InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_dataset$Habitat_Original <- factor(InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_dataset$Habitat_Original, levels = c("FRESHWATER", "NO FRESHWATER"))
```

```
InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_dataset$Habitat <- factor(InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_dataset$Habitat_Original, levels = c("FRESHWATER", "NO FRESHWATER"))
```

```
matriz_InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni <- caret::confusionMatrix(factor(InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_dataset$Habitat), factor(InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni_dataset$Habitat_Original))
```

```
# Función para graficar la ConfusionMatrix con los números y un gradiente de azul claro a azul oscuro
```

```
plot_confusion_matrix <- function(matriz, title) {
```

```
  matriz_melt <- melt(matriz)
```

```
  colnames(matriz_melt) <- c("Predicted", "Actual", "Count")
```

```
  ggplot(matriz_melt, aes(x = Actual, y = Predicted, fill = Count)) +
```

```
    geom_tile() +
```

```
    scale_fill_gradient(low = "lightblue", high = "darkblue") + # Gradiente de colores
```

```
    geom_text(aes(label = Count), color = "white", size = 6) + # Añadir los números en las celdas
```

```
    theme_minimal() +
```

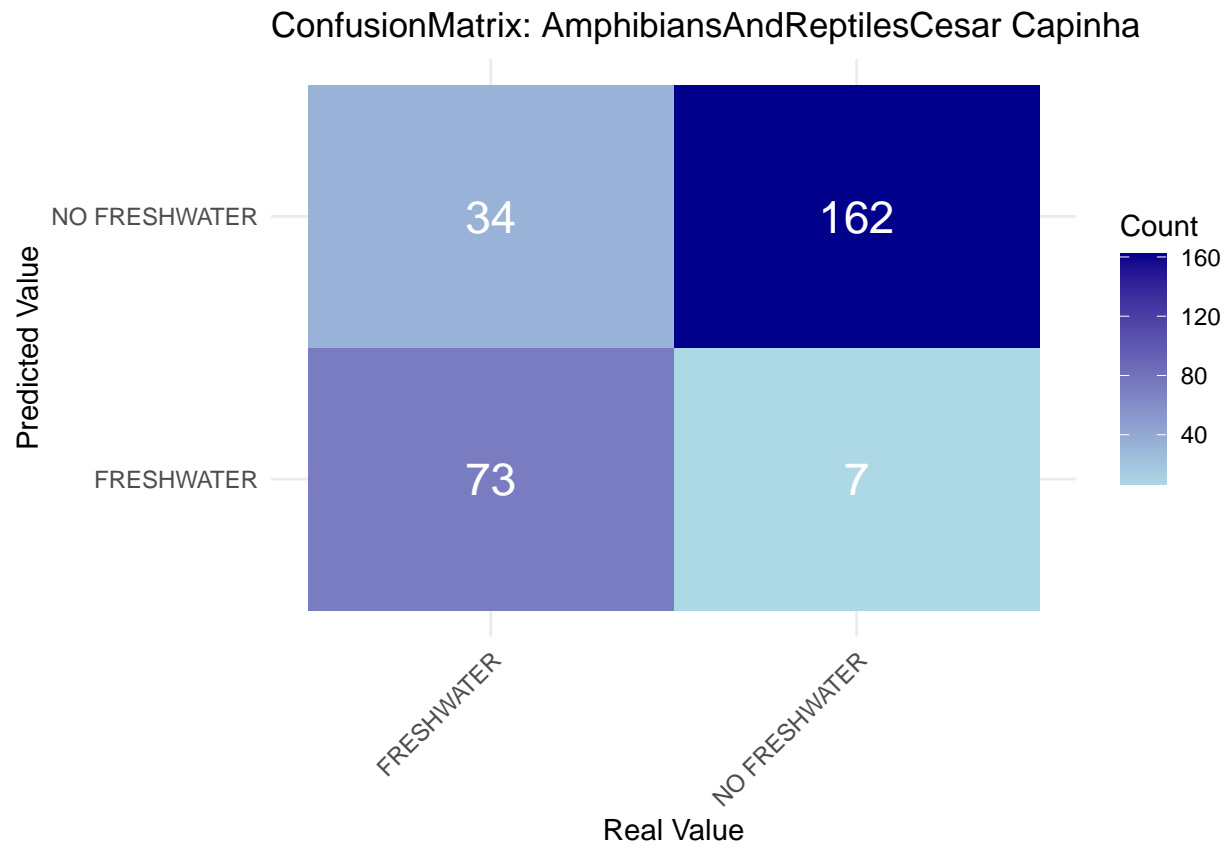
```
    labs(title = title, x = "Real Value", y = "Predicted Value") +
```

```
    theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1)) # Ajuste de texto en los ejes
```

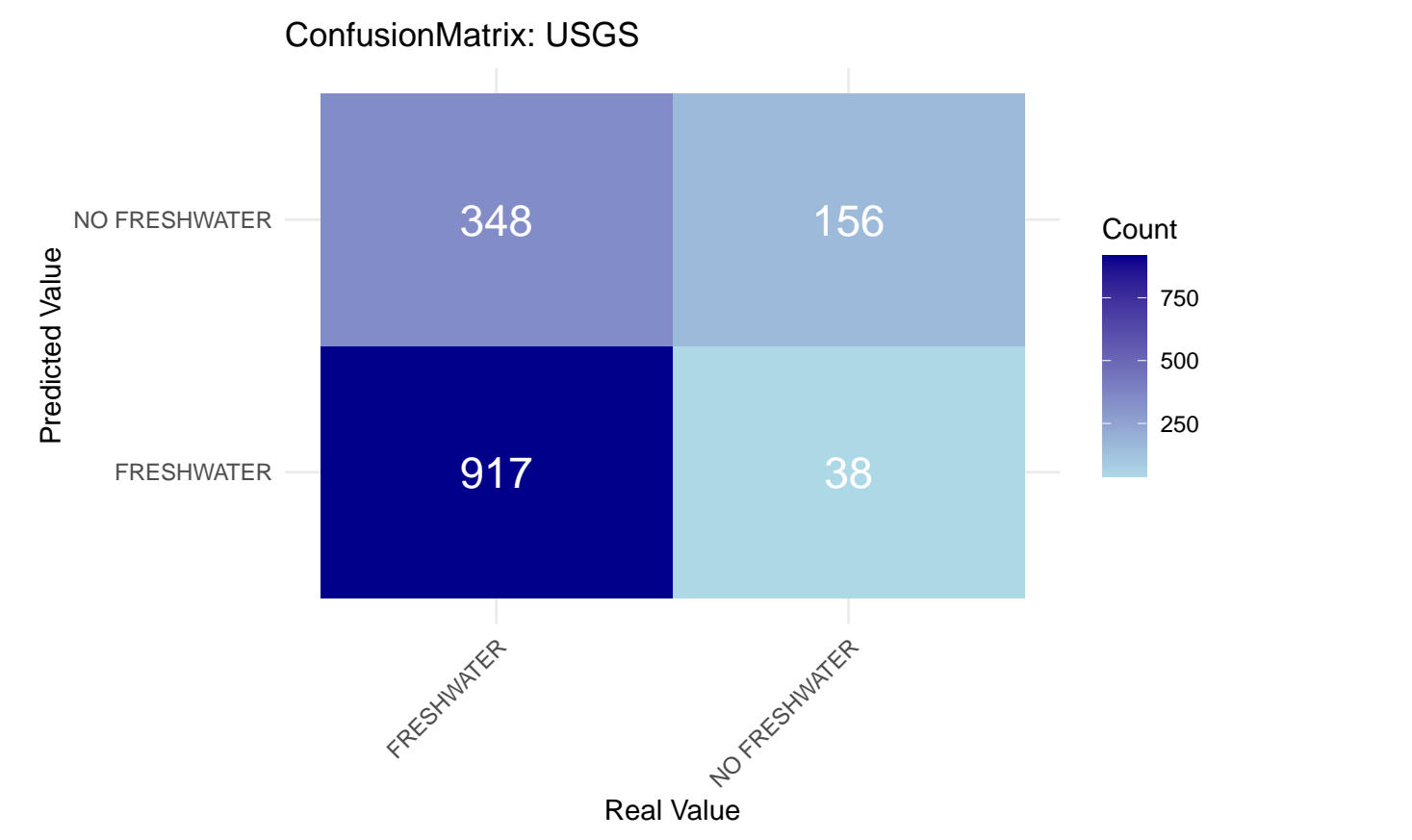
```
}
```

```
# Graficar las matrices de confusión para cada conjunto de datos
```

```
plot_confusion_matrix(matriz_amphibios, "ConfusionMatrix: AmphibiansAndReptilesCesar Capinha")
```



```
plot_confusion_matrix(matriz_usgs, "ConfusionMatrix: USGS")
```

```
plot_confusion_matrix(matriz_InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni, "ConfusionMatrix: InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenni")
```

ConfusionMatrix: InvasiveNonNativeSpeciesInBrazil_RafaelZenr

